

הזמנה להצגת תוכנת Ingenuity Pathway Analysis (IPA)

<https://www.qiagenbioinformatics.com/products/ingenuity-pathway-analysis/>

הנכם מוזמנים להצגה של תוכנת IPA, שרכשנו עבורה רישיון שנתי החל מדצמבר 2019. התוכנה תוצג ע"י ד"ר אורלי אשל מחברת איילקס ביוטק, אשר מייצגת את Qiagen Bioinformatics בארץ. יתקיימו שתי הרצאות זהות:

יום שלישי, 14.1.2020 בין השעות 10:00 – 12:00
יום ראשון, 19.1.2010 בין השעות 12:00 – 14:00

בנין 39, חדר הסמינרים 106 ע"ש דה פיצ'וטו
[להרשמה](#)

IPA הינה התוכנה המובילה בעולם לאינטרפרטציה ביולוגית מערכתית של תוצאות המתקבלות מניסויים רחבי היקף בגנומיקה, פרוטאומיקה ומטבולומיקה. היא מאפשרת לחוקר למצוא בעצמו, דרך ממשק גרפי ידידותי, הקשרים בין מולקולות ביולוגיות, מסלולים, רשתות אינטראקציה, מטבוליטים ותרופות. התוכנה כוללת אלגוריתמים סטטיסטיים ייחודיים ומאגר מידע עצום של מסלולים ביולוגיים אשר נבנה ידנית על ידי יצרני התוכנה. יש בתוכנה כדי לתרום תרומה מכרעת לכל מחקר אשר בוחן מערכות ביולוגיות מורכבות, מרכז מידע על גנים/חלבונים/מטבוליטים רבים ומנסה למצוא ביניהם קשר ומשמעות חדשים.

מבין הכלים שמציעה התוכנה:

- ביצוע מבחני העשרה סטטיסטית למסלולים ביולוגיים בקרב רשימות גנים.
- חישוב הכיוון (הגברה או עיכוב) בו השתנו המסלולים הביולוגיים בהם מעורבים הגנים שהתקבלו בניסוי.
- חיזוי אילו תהליכים פיזיולוגיים ופתולוגיים עשויים להיות מושפעים downstream ע"י הגנים מהניסוי.
- חיזוי אילו רגולטורים קריטיים הנמצאים upstream לגנים הם אלה שהפעילו או עיכבו אותם.
- יצירת רשתות אינטראקציה ביולוגיות שעשויות להסביר את מסלול הבקרה לכל אורכו, מהרגולטורים שבראשו ועד האפקטורים והתהליכים שבסופו.
- הצבעה על קשרים אפשריים בין הגנים והמסלולים שהתקבלו בניסוי לבין גנים וחלבונים אחרים, כימיקלים ותרופות.
- ביצוע סימולציה של השפעת פרטורבציות על רשתות אינטראקציה ומסלולים ביולוגיים.
- כלים גרפיים המאפשרים לבנות בצורה אינטראקטיבית מודלים של מנגנונים שעשויים להסביר את התוצאות שהתקבלו בניסוי.
- סיוע בזיהוי מטרות וביומרקרים, בפענוח מנגנוני פעולה ורעילות, ובהבנה של תהליכים מחוללי-מחלה.
- השוואה בין ניסויים שונים, ועוד ועוד.

התוכנה עשירה בתצוגות גרפיות וקלה לעבודה, וכך מאפשרת לחוקר, אשר מכיר יותר טוב מכל אחד אחר את המערכת הביולוגית אותה הוא חוקר, לקשר בעצמו בין התוצאות הסטטיסטיות שהתקבלו בניסוי לבין הידע הביולוגי הקיים, ולתת את המשמעות המנגנונית והיישומית לתוצאות. התוכנה מתאימה לא רק לחוקרים שעשו בעצמם ניסויים רחבי היקף (למשל RNA-Seq, miRNA-Seq, proteomics, metabolomics) אלא גם לכל מי שמעוניין לעשות אינטגרציה של מידע ביולוגי ממקורות שונים, למצוא הקשרים חדשים בין השחקנים במערכת, ולהעלות היפותזות להמשך מחקר.

התוכנה מתמקדת במערכות ביולוגיות של אדם, עכבר וחולדה, אך מאפשרת להשליך אליה מידע מאורגניזמים אחרים ע"י הומוлогия.

נשמח לראותכם,

ורד כספי וצוות היחידה לביואינפורמטיקה

veredcc@bgu.ac.il 054-7915969